



Title	Bacillus属細菌の遺伝的構成と分類
Author(s)	関, 達治
Citation	大阪大学, 1980, 博士論文
Version Type	
URL	https://hdl.handle.net/11094/32505
rights	
Note	著者からインターネット公開の許諾が得られていないため、論文の要旨のみを公開しています。全文のご利用をご希望の場合は、大阪大学の博士論文についてをご参照ください。

The University of Osaka Institutional Knowledge Archive : OUKA

<https://ir.library.osaka-u.ac.jp/>

The University of Osaka

氏 名・(本籍)	関	達	治
学 位 の 種 類	工	学	博 士
学 位 記 番 号	第	4 8 0 0	号
学位授与の日付	昭 和 55 年 1 月 29 日		
学位授与の要件	学位規則第 5 条第 2 項該当		
学 位 論 文 題 目	Bacillus 属細菌の遺伝的構成と分類		
論文審査委員	(主査) 教 授 大嶋 泰治 (副査) 教 授 岡田 弘輔 教 授 原田 篤也		

論 文 内 容 の 要 旨

従来、細菌は形態学的、生理学的諸性質に基づき分類されてきたが、その判断基準が各種 (species) 間について不統一であったため、統一的な分類法の確立が望まれている。本論文は、工業的利用度の高い *Bacillus* 属細菌の分類学的考察を、遺伝情報を担うデオキシリボ核酸 (以下 DNA と略す) 塩基配列の相同性および遺伝子の種間共通性により行った成果をまとめたものであり、序論および考察を含む 4 章からなっている。

序論では、細菌の分類に関する基本概念および本論文の目的と意義について述べている。

第 1 章では、本研究に使用した DNA-DNA 雑種形成法の諸条件を検討している。すなわち多種類の菌株間の DNA 相同性を調べるため、方法は簡便かつ信頼性の高いことが必要とされるので、McConaughy らのメンブランフィルターを用いた DNA-DNA 雑種形成法を改変し、反応に必要な DNA 量、反応時間、温度などの実験諸条件を確立している。

第 2 章では、第 1 章で確立した DNA-DNA 雑種形成法を用い、*Bacillus* 属各種 (species) の分類学的関係を明らかにしている。すなわち通常分類法により *Bacillus* 属の 16 種に分類された 99 株を、10 種 12 株の標準株に対し DNA 相同値を求め、*Bacillus* 属各種は腸内細菌群などと比較して進化的によりかけ離れた集団であることを明らかにしている。従来の分類法で単一種とされていた *B. subtilis*、*B. firmus*、*B. circulans*、*B. sphaericus* の各種は、それぞれ二つ、またはそれ以上の種に再分類されるべきであるという結論を得、異種とちれている *B. cereus* と *B. thuringiensis* は同一種として統一されるべきとしている。また、*B. subtilis* とそれに高い DNA 相同性を示した *B. amyloliquefaciens*、*B. licheniformis*、*B. pumilus* では、その DNA 相同性が染色体全般にわたる均一な相同

性によるものではなく、特定の遺伝子が進化の過程で変化することなく保存されていることを *B. subtilis* を受容菌とする形質転換によって示している。

第3章では、第2章で比較的高い DNA 相同値が示された *B. subtilis*, *B. amyloliquefaciens*, *B. licheniformis* および *B. pumilus* の各種における保存遺伝子の機能と染色体上の領域を明らかにしている。すなわち、保存遺伝子として認められている各種薬剤耐性遺伝子および新たに分離した10株の温度感受性増殖変異株の保存遺伝子を検討し、これらがリボ核酸合成を含む蛋白質合成機構、または細胞分裂に関する機能を支配しており、*B. subtilis* の染色体上で少なくとも4つの領域に集合していることを明らかにしている。

第4章では、第2, 3章の結果に基づき、進化ならびに系統発生の立場から *Bacillus* 属細菌における種の定義および種の配列につき考察を行っている。

論文の審査結果の要旨

本論文は、従来の細菌分類が形態的、生理的諸性質にもとづいているのに対し、分子生物学知見にもとづき、DNA 塩基配列の相同値により、工学的に重要な *Bacillus* 属細菌の分類学的研究を行なったものである。その成果は次のように要約できる。

- (1) 多数の菌株間の DNA 相同値を求めるため、メンブランフィルターを使用する。簡便で正確な方法を設定している。
- (2) 通常分類法により16種に分類されている *Bacillus* 属細菌99株に対し、10種12株を標準株として DNA 相同値を決め、腸内細菌と比較して、*Bacillus* 属細菌は種間の隔離が大きいことを示している。
- (3) 従来より、その帰属が疑問となっていた。*B. subtilis* と *B. amyloliquefaciens*, *B. firmus* と *B. leutus* は DNA 相同値、あるいは形質転換能により、明確にそれぞれ別種であることを示し、*B. circulans* および *B. sphaericus* は DNA 相同値により、それぞれ2種以上の種に再分類されるべきであり、*B. cereus* と *B. thuringiensis* は同一種にまとめるべきであるなど、*Bacillus* 属分類に重要な知見を示している。
- (4) *Bacillus subtilis* に比較的高い DNA 相同値を示した *B. amyloliquefaciens*, *B. licheniformis* および *B. pumilus* では、細胞分裂あるいは蛋白質合成機構に関係する遺伝子が、染色体上の特定領域で共通の構造を持つていることを明らかにしている。

以上の結果は、*Bacillus* 属細菌の進化と系統発生について重要な知見を加え、分類学の進歩に寄与するところが多い。よって、本論文を博士論文として価値あるものと認める。